



FIG. 1A

1 60
SEQ ID NO:25 (gi 2969887) MAG-----PEADNRHRGGATAAPP-----
SEQ ID NO:26 (gi 2723471) MARGSGAGGGGGG-----GGGIEL-----SVGVGGG-ARGGGGEEAAAAVET
SEQ ID NO:27 (gi 542020) MQS-----STSKENKQPPSSQHPPLMVAGAAE
SEQ ID NO:28 (gi 1935019) MEP-----LSSTKQINNNNNLAKPSSLHVETQP-
SEQ ID NO:2 MARG-----DG-----GQLAEL-----SAGVRC-----AAAVVDH
SEQ ID NO:4 HE-----
SEQ ID NO:6 AA-----DH-----
SEQ ID NO:8
SEQ ID NO:10 MDSAAGGGGLTAIRLPYRHLR-DAEMELVSLN-----GGTPRGSPKDPDATHQ-QGPPA
SEQ ID NO:12 ME-----EPQ
SEQ ID NO:14 MEP-----LSSTKH-----NNLSKPSSLHTEAPP-
SEQ ID NO:16 AR-----
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20 MARG-----GG-----NGEVEL-----SVGVGGGG-----GAAGGGEQPAVD-
SEQ ID NO:22 MARG-----GG-----NGEVEL-----SVGVGGGGA-----GA-GGADAPAVD-
SEQ ID NO:24 -----GSDAARPKEEQGGGAGGEGG

61 120
SEQ ID NO:25 (gi 2969887) RSRVSLRLLLRVASVACGIQFGWALQLSLLTPYVQELGIPHAWSSIIWLCGPLSGLLVQP
SEQ ID NO:26 (gi 2723471) AAPISLGRLLISGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCPGPIAGMVVQP
SEQ ID NO:27 (gi 542020) PNSSPLRKVMVASIAAGIQFGWALQLSLLTPYVQLLGIPHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:28 (gi 1935019) LEPSPLRKIMVVASIAAGVQFGWALQLSLLTPYVQLLGIHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:2 VAPISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCPGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:4 VAPISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCPGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:6 -----HEIT-----
SEQ ID NO:8 ARTTTTRKLVACMVAAGVQFGWALQLSLLTPYIQTGLIDHAMASFIWLCGPITGFVVQP
SEQ ID NO:10 PGPSPLRKIMLVSSMAAGIQFGWALQLSLLTPYVQTLGVPHAWASFIWLCGPISGLLVQP
SEQ ID NO:12 PEASPLRKIMVVASIAAGVQFGWALQLSLLTPYVQLLGIPHHTWAAFIWLCGPISGMLVQP
SEQ ID NO:14 -----GW-----
SEQ ID NO:16
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20 ----ISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCPGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:22 ----ISLGRLLIAGMVAGGVQYGWALQLSLLTPYVQTLGLSHALTSMFWLCPGPIAGLVVQP
SEQ ID NO:24 MKGAPKRWVVLACMVAAGVQFGWALQLSLLTPYIQTGLIDHAMASFIWLCGPITGFVVQP

FIG. 1B

121 180
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) IVGHMSDQCTSKYGRRRPFIVAGGTAILAVIIIAHSADIGLLGDT---AD---NKT
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) CVGLYSDRCTSKWGRRRPYILTCVLCIAVVVIGFSADIGYAMGDTKEDCSVYHGSRWH
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGAAFAIAVFLIGYAADLHLSGDSLDK-S-----PKTR
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGSIAVAIAVFLIGYAADLHLSGDSLDQ-K-----VRPR
 SEQ ID NO:2 LVGLYSDRCTSRWGRRRPFILTCMLICVAVIVVGFSSDIGAALGDTKEHCSTYHGP
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 LVGLYSDRCTARWGRRRPFILIGCMLICIAVIVVGFSSDIGAALGDTKEHCSTYHGP
 SEQ ID NO:8 -----ASIAAAVLTVGFSADLGRIFGDSITPGS-----TRLG
 SEQ ID NO:10 CVGWSDKCRSKYGRRRPFILAGCLMICFAVTLIGFSADLGYILGDTTEHCSTYKGRFR
 SEQ ID NO:12 IVGYSSDRCSRFGRRRPFILAGSLAVIAVFLIGYAADIGHAAGDNLQ-K-----TRPR
 SEQ ID NO:14 IVGYHSDRCTSRFGRRRPFIAAGSLAVIAVFLIGYAADLGHMFGDSLAK-K-----TAPR
 SEQ ID NO:16 -----
 SEQ ID NO:18 -----
 SEQ ID NO:20 CVGLYSDKCTSRWGRRRPFILTCILICIAVVVVGFSADIGAGLGDSEKCSLYHGP
 SEQ ID NO:22 CVGLYSDKCTSRWGRRRPFILTCILICIAVVVVGFSADIGAGLGDSEKCSLYHGP
 SEQ ID NO:24 CVGWSDKCRSKYGRRRPFILAGCVLICAAVTLVGFSADLGYMLGDTTEHCSTYKGLRYR

181 240
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) AIVAFVIGFWILDVANNTVQGPCRALLADLTGNDARRTRVANAYFSLFMAIGNVLGYATG
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLSGRHGPGT--ANSIFCSWMAMGNILGYSSG
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) AIAIFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLADLSTGTSQKTRTANALFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) AIGIFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLGDLGAGNQRKTRNANAFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:2 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPARAMMADLCDHHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPARAMMADLCGHHGPSA--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:8 AIIIVVLGFWLLDVGNNTVQGPCRAFLADLTENDPRRTRIANAYFSLFMAIGNVLGYATG
 SEQ ID NO:10 AAIIFVLGFWMLDLANNVQGPALMALDLADLSPDQCNS--ANAIFCTWMAVGNVLGFSSG
 SEQ ID NO:12 AVAIFVIGFWILDVANNTVQGPCRAFLGDLAAGDEKKTAKANAFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:14 HR-IFVVGFWILDVANNTVQGPCRALLGDLGAGEQKTRNANAFSEFFMAVGNVLGYAAG
 SEQ ID NO:16 -----
 SEQ ID NO:18 -----
 SEQ ID NO:20 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLADLADLSPDQCNS--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:22 AAIIVVLGFWLLDFSNNTVQGPALMALDLADLADLSPDQCNS--ANSIFCSWMALGNILGYSSG
 SEQ ID NO:24 AAFIFIFGFWMLDLANNVQGPALMALDLADLADLSPDQCNS--ANAIFCSWMALGNILGYAAG

FIG. 1C

241 300
 SEQ ID NO: 25 (gi 2969887) AYSGWYKVFPEFLTSSTINCANLKSIFYIDIIIFIITTYISISAAKERPRISSODGP--
 SEQ ID NO: 26 (gi 2723471) STNNWHKWFPEFLKTRACCEACANLKGAFVAVIFLSLCLVITLIFAKEVPFKGNAA--
 SEQ ID NO: 27 (gi 542020) AYTHLYKLFPEFTKTTACDVYCANLKSFFISIVLLSLTVLALSIVYKEKPWSPDQAVD--
 SEQ ID NO: 28 (gi 1935019) AYSKLYHVFPFTKTKACNVYCANLKSFFLSIALLTVLATSALIYVKETALTPEKTVV--
 SEQ ID NO: 2 STNNWHKWFPEFLKTSACCEACANLKGAFVAVVFLVCLTITLIFAKEVPYRANEN--
 SEQ ID NO: 4 STNNWHKWFPEFLMTNACCEACANLKGAFVAVVFLIMCLTITLFFAKEVPYRGNQ--
 SEQ ID NO: 6 AYSGWYKIFPEFTVTPSCSISCANFKSAFLDIIILVVTCITVASV--QEPQ--
 SEQ ID NO: 8 ASGNWHKWFPEFLMTRACCEACANLKAFLVAVVFLFCMSVTLYFAEEIPLPTDAQRLS
 SEQ ID NO: 10 SYDGLHRLFPFTEACNVFCANLKSFFFAIVLLVLTTLVLTIVKETPYTPKAEKE--
 SEQ ID NO: 12 SYSGLHNVPFPTKTKACDVYCANLKSFFLSIALLTLSLTIALTYVKEKTVSSEKTVR--
 SEQ ID NO: 14
 SEQ ID NO: 16
 SEQ ID NO: 18
 SEQ ID NO: 20
 SEQ ID NO: 22
 SEQ ID NO: 24

360
 301
 SEQ ID NO: 25 (gi 2969887) -----QFSEDGTAQSGHIEA--F--
 SEQ ID NO: 26 (gi 2723471) ---LPT-KSNEPAEPEGT-----G
 SEQ ID NO: 27 (gi 542020) -----NAEDDTASQASSSAQPMFFF--
 SEQ ID NO: 28 (gi 1935019) ---TT-EDGSSGG-----MPCF--
 SEQ ID NO: 2 LPTTKAGGEVETEPT-----G
 SEQ ID NO: 4
 SEQ ID NO: 6 ---LPT-KANGEVETEPTS-----G
 SEQ ID NO: 8 -----SFGSDEADHPSTEQEA--F--
 SEQ ID NO: 10 DSAPLLNGSRDDNNASNEPRNGALPNGHTDG---SNVPANSNAE-DSNSNRENVEVFNDG
 SEQ ID NO: 12 -----TEDAEKT-----HFSCF--
 SEQ ID NO: 14 -----SSVEEDGSHGG-----MPCF--
 SEQ ID NO: 16
 SEQ ID NO: 18
 SEQ ID NO: 20 ---LPT-KNGQVEVEPT-----G
 SEQ ID NO: 22 ---LPT-KANGOVEVEPT-----G
 SEQ ID NO: 24 DSAPLLNGSRDDHDDASSEQTNGGLSNGHADA---NHVSANSSADAGSNSKNKDDVEAFNDG

FIG. 1D

361
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) ---LWELFCGTRLLPGSVWVILLVTCNLWIGWFPFILFDTDMGREIYGGEPNQ---GQ
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) P----LAVLKGFRNLPTGMPSVLIVTGLTWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTDPOI
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) -----GEILGAFKNLKRPMWILLVTCNLWIAWFPFLLFDTDMGREVYGGDSSGSAEQL
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) -----GQLSAGFKNLKRPMWILLVTCNLWIAWFPFLLFDTDMGREVYGGTVGEGHA--
 SEQ ID NO:2 P----LAVLKGFKDLPPGMPSVLLVTAITWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGSNAQI
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 P----LAVLKGFKNLPTGMPSVLLVTCNLWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGSNAQI
 SEQ ID NO:8 -----LWELFGSFRYFTLPVWMLIVTALTWIGWFPFILFDTDMGREIYRGSPDDPSITQ
 SEQ ID NO:10 PGAVLVNLTSMRHLPPGMYSVLLVMALTWLSWFPFLLFDTDMGREVYHGDPNLSE
 SEQ ID NO:12 -----CGELCLAFKGLKRPMWMLVTAVNWIAWFPFELFDTDMGREVYGGDVGO-----
 SEQ ID NO:14 -----GQLFGAFRELKRPMWILLVTCNLWDCLVPFLLFDTDWD-----
 SEQ ID NO:16 -----
 SEQ ID NO:18 -----AGMPSVLLVTCNLWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDEA
 SEQ ID NO:20 P----LAVFKGFKNLPP-.MPSVLLVTCNLWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDE
 SEQ ID NO:22 P----LAVFKGFKNLPPGMPSVLLVTCNLWLSWFPFILIYDTDMGREIYHGDPKGTPDEA
 SEQ ID NO:24 PGAVLVKILTSMRHLPPGMYSVLLVMALTWLSWFPFLLFDTDMGREVYHGDPKGNASER

421
 SEQ ID NO:25 (gi 2969887) S----YSDGVRMGAFGLMNSVVLGITSVLMKELCRWGSF-FMWGLSNILMTICF-FAML
 SEQ ID NO:26 (gi 2723471) --EAFNQVRAGAFGLLNSIVLGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFIYVCIAMAAATL
 SEQ ID NO:27 (gi 542020) --KLYDRGVRAGALGLMNSVVLGFTSLGVEVLARGVGVKRLWGIWVFLAVCLAMTVL
 SEQ ID NO:28 (gi 1935019) ----YDMGVREGALGLMNSVVLGATSLGVDILARGVGVKRLWGIWVFLAICLGLTVL
 SEQ ID NO:2 --SAFNEGVRVGAFLGLLNSVILGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFMVCMVAMAATL
 SEQ ID NO:4 -----
 SEQ ID NO:6 --SAFDEGVRVGSFGLLNSIVLGFSSFLIEPMCRKVGP-RVVWVTSNFMVCMVAMAATL
 SEQ ID NO:8 S----YHDGVRMGAFGLMNSVVLGFTSIVLEKLCRWKAG-LVWGVSNILMALCF-VAML
 SEQ ID NO:10 --KAYDNGVRAGAFGLLNSVVLGIGSFVDPCLRMGA-RLVWAI SNFTVFCMLATAI
 SEQ ID NO:12 --KAYDSGVHAGSLGLMNAVLAVMSLAIEPLGRVVGKILWGIWVFLAICLGMTVL
 SEQ ID NO:14 -----WGVR-----CTE-----
 SEQ ID NO:16 -----LGGVKRLWGGINFLAVCLAMTVV
 SEQ ID NO:18 --NAFAQVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLGP-RVVWVSSNFIYVCIAMAAICI
 SEQ ID NO:20 --ANAFQAGVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLG-PRVVWVSSNFIYVCLSMAAIC
 SEQ ID NO:22 --NAFAQVRAGAFGLLNSVVLGFSSFLIEPLCKRLGP-RVVWVSSNFIYVCLSMAAICI
 SEQ ID NO:24 --KAYDDGVREGAFGLLNSVVLGIGSFIDPLCRMIGA-RLVWAI SNFTVFCMLATTI

480

5

481

541

FIG. 1F

SEQ ID NO:25	(gi 2969887)	RRPRVD-KSRLH-----H-	601	621
SEQ ID NO:26	(gi 2723471)	PKISK---RQFSVSMGGH-		
SEQ ID NO:27	(gi 542020)	PSPQDMP-SAKALT-AAFH-		
SEQ ID NO:28	(gi 1935019)	PSPPDMAKSVSATG-GGFH-		
SEQ ID NO:2		PKISK---RQFRAVS-AGGH-		
SEQ ID NO:4		PKLSN---S-YQSAGFHGFG-		
SEQ ID NO:6		PKISK---RQFRAVS-AGGH-		
SEQ ID NO:8		PRARIASRRRGH-----R-		
SEQ ID NO:10		PKLPN---S-YRSAGFHGFG-		
SEQ ID NO:12		PTPKKADEVRASSLNMGSLH-		
SEQ ID NO:14		-----FR-		
SEQ ID NO:16		PSPPPDVVLK--VSGGMH-		
SEQ ID NO:18		PKISR---RQFRAVS-GGGH-		
SEQ ID NO:20		LPKIS---RRQFRAV-SGGH		
SEQ ID NO:22		PKISR---LQFRAVS-GGGH-		
SEQ ID NO:24		PKLSN---N-YQSAGFH-MG-		